

## No. 7

### 放射光科学総合研究センターにおけるタンパク質X線結晶構造解析実験データの公開 Publication of Experiment data of X-ray crystallographic analysis in SPring-8 Center.

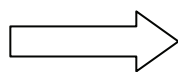
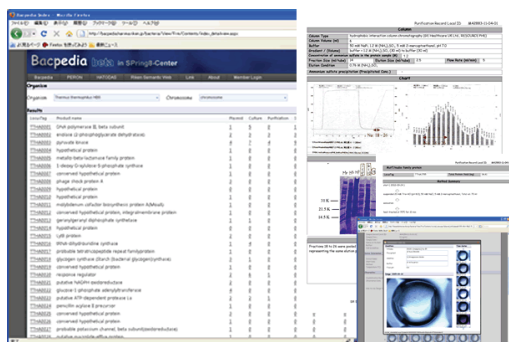
浅田 征彦<sup>1</sup>, 水谷 尚志<sup>1</sup>, 菅原 道泰<sup>1</sup>, 新海 暁男<sup>1</sup>, 倉光 成紀<sup>1</sup>, 国島 直樹<sup>1</sup>  
YUKUHIKO Asada<sup>1</sup>, MIZUTANI Hisashi<sup>1</sup>, SUGAHARA Michihiro<sup>1</sup>, SHINKAI Akeo<sup>1</sup>, KURAMITSU Seiki<sup>1</sup>,  
KUNISHIMA Naoki<sup>1</sup>

<sup>1</sup> 理研播磨・放射光科学総合研究センター

<sup>1</sup> SPring8 Center

e-mail: [asada@spring8.jp](mailto:asada@spring8.jp)

放射光科学総合研究センターでは SPring-8 放射光を用いた迅速なタンパク質の構造決定のための基盤を構築してきた。その中で我々はタンパク3000プロジェクトの一環として進化及び生育環境のいずれの観点からも広い範囲をカバーする9種類の微生物由来タンパク質の構造解析を担当すると同時に、重原子検索プログラム HATODAS や自動構造解析プログラム PERON 並びに研究データを管理するためのラボラトリー情報管理システム等の情報基盤の開発を行い導入することで迅速な構造解析につなげてきた。プロジェクトの実施する過程で発現トライアル、詳細な試料調製方法、自動結晶化・観察ロボットによる結晶化情報等の多くの実験データが蓄積された。これら情報は高難度タンパク質に向けた構造解析技術の開発のみならず、機能解析等を行う生命科学の研究者にとって幅広い有益な情報となる可能性を秘めている。そこで我々は 1)微生物由来タンパク質のX線結晶構造解析実験情報、2)重原子実験情報、3)網羅的で均一な変異体構造解析実験データについて情報の整理を実施している。また得られたデータについては統合データベースプロジェクトの一環として理研生命情報基盤研究部門が開発した公開基盤「理研サイネス」(<http://database.riken.jp>)に実データを提供している。今年度4月から一般にβ公開し、この基盤を通じて生データのダウンロードが各種形式で可能である。理研サイネスでは理研内から提供された各種データがデータの再利用や自動処理化が容易なセマンティックウェブ形式で構築・統合化されており、データの共有化及び自動処理等が容易である。



実データの提供(生データ)



#### [理研サイネス]

統合データベースプロジェクトの一環として今年度4月から一般に、データの再利用可能な形でβ公開中。プレスリリース【世界最大級のタンパク質結晶構造解析実験データベースを公開】2009年7月23日